

Fig. 2

```

AAGAGCTTGAGTGCTCGTGTCAAGTGTCCACGCTTATCGGTTGTTGTTAT -50
::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
AAGAGCTTGAGTGCTCGTGTCAAGTGTCCACGCTTATCGGTTGTTGTTAT -50

ATAGCTGCTGGATCGGTGGCTGCTGATCCGAGAGAGAAAGGTTTCGCGGG -100
::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
ATAGCTGCTGGATCGGTGGCTGCTGATCCGAGAGAGAAAGGTTTCGCGGG -100

TCTGTAGCTCAGTCGGTTAGAGCACCGTCTTGATAAGGCGGGGGTCTGTTG -150
::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
TCTGTAGCTCAGTCGGTTAGAGCACCGTCTTGATAAGGCGGGGGTCTGTTG -150

GTTCTGAATCCAACCAGACCCACCAAGGTTTCCTGAGAGGGAAATGGGGGT -200
::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
GTTCTGAATCCAACCAGACCCACCAAGGTTTCCTGAGAGGGAAATGGGGGT -200

GTAGCTCAGCTGGGAGAGCGCCTGCTTTGCAAGCAGGATGTCATCGGTTTC -250
::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
GTAGCTCAGCTGGGAGAGCGCCTGCTTTGCAAGCAGGATGTCATCGGTTTC -250

GATCCCGTTTCACCTCCACCAAAGCCTGTCCAGAGGATGGGTGTGGNNNG- -299
:::::::::::::::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
GATCCCGTTTCACCTCCACCAAGAGCCCGTCTTGAAGATGGGAGCGGGTTGG -300

-----AGACCAG-AAGGCGAGAGAGCAACGTTAGTGCTGCGAGTCAGTG -342
:::::::: ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
CAGGCGAGACCAGGAAGGCGAGAGAGCAACGTTAGTGCTGCGAGTCAGTG -350

TTAAGCGTTGGGTTTTGGCCGACAGCTATATATGTTCTTTAACAATTTGG -392
::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
TTAAGCGTTGGGTTTTGGCCGACAGCTATATATGTTCTTTAACAATTTGG -400

AAGAAGCACAAACGTAAAGTGTTTCGTTTAGTAGTCGGCGCGAGTCGATGAA -442
::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
AAGAAGCACAAACGTAAAGTGTTTCGTTTAGTAGTCGACGCGAGTCGATGAA -450

GACGGATACGGGTTGTGATTGCATGATTTTGTTCGAAGTCTCAAGAACTG -492
::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
GACGGATACGGGTTGTGATTGCATGATTTTGTTCGAAGTCTCAAGAACTG -500

GCTGGGCGGCCAAGCGTTTGGTCAGATGCTTTGAACTTATGAACGGCACA -542
::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
GCTGGGCGGCCAAGCGTTTGGTCAGATGCTTTGAACTTATGAACGGCACA -550

AGCGCGAATGAACAGCACCTATAAGACTTTAGTGTTATAG -582
::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
AGCGCGAATGAACAGCACCTATAAGACTTTAGTGTTATAG -590

```

Fig. 3

Fig. 5

```

AC-----GAAG-----TT-----AT-----CTGATTGGCAA---GAA----- -24
:      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
AGAGAAAGAAGGGGCTTTAGGCATTACACTTATCGGTAAACTGAAAAGA -50

TCCACAACAAG-TTGTCTTTGGTAAGAT--GTTTAA-----AAAC-GG -64
: :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
TGCGGAAGAAGCTTGAGTGAAGGCAAGGTTTCGCTTAAGAAGGGAAACCGG -100

GTCTATAGCTCAGTTGGTTAGAGCACCGTGTTGATAACGCGGG-GGTCAT -113
: :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
GTTTGTAGCTCAGCTGGTTAGAGCACACGCTTGATAA-GCGTGAGGTCGG -149

AAGTTCAAGTCTTATTAGACCCACCATT-TT-GGGGCCATAGCTCAGTTGG -162
: :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
AGGTTCAAGTCCTCCAGACCCACCAAGAACGGGGGCATAGCTCAGTTGG -199

TAGAGCGCCTGCCTTGACGCGAGGAGGTCAGGAGTTCGACTCTCCTTGGC -212
: :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
TAGAGCACCTGCTTTGCAAGCAGGGGGTCATCGGTTTCGATCCGTTTGCC -249

TCCACCAAGCAAGTTTAAACATCAAAGCATACATAAGCAATTTAAATAAG -262
: :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
TCCACCAA--AACTTTACAAATGAAAGCAAG--TTTGCTGT-TTTAGCAG -295

ATTTCTTATTTATGCTTT-TATTTTATAAACTGA-CGAAGTTATAACAT -310
: :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
CTTATTTTGATTTGCGAAGTAGAATAACGACGCATCGATCTTAACAAAT -345

T-----ATTTAACAA-CATAGT--ATGAGTCTGGGTAAATTATTT -347
:      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
TGGAAGCCGAAATCAACAAACAAAGACAATGAGTTTGTTTTGATTTTTT -395

AAT---TCCAACAAATAATTAACCTGGTGTTTGT--ACCCAATACAAACA -392
: :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
ATTCTTTGCAAAGGATAAAAAATCTCTCGCAAGAGAAAAGAAACAAACA -445

CCAAA-----AAAGTAAAGAG--AA--CTGAATCA--GC- -421
:      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
TAGTATTTGGGTGATGATTGTATCGACTTAATCCTGAAACACAAAAGGCA -495

GTA-----AACATAGGTG-AATCGTTA-CACATTACCCATA-CAC- -458
: :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
GGATTAAGACACAACAAAGCAGTAAGCTTTATCAAAGTAGGGATTTCAG -545

-----AC-----CAAAGACTTCCTA---GAAGTCAGACTA---CTTGG -490
: :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
TTTGCTTACTTAGTCAACGGGTAGGTAAACGAAGTCAAAGAAATTCTTGA -595

GGTTGTAT -498
:   :
AATGATAG -603

```

Fig. 6

```

C----- -1
:
CTTAACCTTCGGGAGGGCGCTTACCACTTTGTGATTTCATGACTGGGGTGA -50
-----CAAAATAA-----AG-----AC-----ATCAC----- -18
      :::   :::   ::   ::   ::
AGTCGTAACAAGGTAACCGTAGGGGAACCTGCGGTTGGATCACCTCCTTA -100
-----AAGTA-----CTCACACAGATTGTTTGATTGTTTT -48
      :::   :   :::::::::::::::   :
CCTTAAAGAAGCGTACTTTGTAGTGCTCACACAGATTGTCTGATAGAAAG -150
AGA-----CAAGTCG-----GAATA----- -63
      ::   ::::   ::::
TGAAAAGCAAGGCGTTTACGCGTTGGGAGTGAGGCTGAAGAGAATAAGGC -200
CAT---CTTT-----AAATGT----- -76
:   :   ::::   ::::
CGTTCGCTTTCTATTAATGAAAGCTCACCTACACGAAAATATCACGCAA -250
-----TGTCCCCATCTGTCTAGAGCCCTAGGACAT -106
      ::::::::::   :::::::::::::::
CGCGTGATAAGCAATTTTCGTGTCCCTTC-GTCTAGAGGCCAGGACAC -299
CGCCCTTTCACGGCGGTAACCGGGGTTCTGAANCCCC--GTGGACGCCATC -154
::::::::::::::::::::: ::::::::::::::: :::: : :::::::::::
CGCCCTTTCACGGCGGTAACAGGGGTTCTGAATCCCCTAGGGGACGCCA-C -348
TAAAGATGATTTTT-ATTGTCTTATGTT--CTTTAAAAAATAGAAACAA -201
:   :   ::   ::   :   :   :   :   :   :   :   :   :
TT--GCTGGTTTGTGAGTGAAAGTCGCCGACCTTAATATCTCAAACCTCA -396
GCT----GAAACTGAGAGATTTTCTAAAGTAGAAAGTCTGAGT-AATCT -246
:   :   :   :   ::::   ::   :   ::   ::::   :   :   :
TCTTCGGGTGATGTTTGAGATNTTTGCTCTTTAAAAATCTGGATCAAGCT -446
AAAATCTTAG---CTGAACAAAAGCAGCTAAGTGTTTAGTCTAAATCATT -293
:   :   :   ::::::::::   :   :   :   ::::   :   :
GAAAATTGAAACACTGAACAACGAGAGTTGTTTCGTG-AGTCTCTCAAATT -495
AACCACAAGTATATCAATATGCCTCGCGCATAATAAAATACTTGAGGTTG -343
:   ::   :   :   ::   :   :   :   :   :   :   :
TTCG-CAACACGAT---GATGAATCGA----AAGAAACATCTTCGGGTTG -537

TAT -346
:
TGA -540

```

ACGAA GTTATCTGATTGGCAAGAATCCACAACAAGTTGTTCTTTGGTAAG -50
::: :: : ::
ACGAGATTATCTGATTGGCAAGAATCCACAACAAGTTGTTCTTAG-TAGT -49

ATGTTTAAAAACGGGTCTATAGCTCAGTTGGTTAGAGCACCGTGTGATA -100
: : :: : ::
GTAAGTTAAATTGGGTCTATAGCTCAGTTGGTTAGAGCACCGCCTTGATA -99

ACGCGGGGGTCATAAGTTCAAGTCTTATTAGACCCACCATTTTGGGGCCA -150
: :: :
AGCGGGGGTCATAAGTTCAAGTCTTATTAGACCCACCATTTTGGGGTTA -149

TAGCTCAGTTGGTAGAGCGCCTGCCTTGACGCAGGAGGTGAGGAGTTTCG -200
::
TAGCTCAGTTGGTAGAGCGCCTGCCTTGACGCAGGAGGTGAGGAGTTTCG -199

ACTCTCCTTGGCTCCACCAAGCAAGTTTAA--ACATCAAAGCATACATAA -248
::::::::: ::::::::::: : : : : : : : : : : : : : : :
ACTCTCCTTAAC TCCACC ACTTACAATAAATGAGAACTAAGCAATCAAAT -249

GCAAT----TAAATAAGATTCTTATTTATGCTTT--TATTTTA--TA -289
:
TAGATAACATAAAATTAGATTCTTACTTCTACTTTATGTAGATGACTTA -299

-----AACTGACGAAGTTTATAACA-TTATTTAACAACATAG-TATGAGT -332
:
CAATTAAC TGATGAAGTTAATTTCAATTATTTAACAACGTATATATGAGT -349

CTGGGTTAATTATTTAATTCCAACAAATAATTAACCTGGTGTGTTGTAC-C -381
:: : : : :
CTGGGTTAATTATTTAATTCCAACAAATAATTAACCATTCCGTCATACTC -399

CA-----ATACAAACACCAAA-----A -398
:
CACATCAAGCATATAAAGTTAAAC TTTTAGTATTGATGATGATCGGATA -449

AAGTAAAGAGAACTGAATCAAGCGTAAACATAGGTGAATCGTTACACATT -448
::
AAGTAAAGAGAACTGAATCAAGCGTAAACATAGGTGAATCGTTACACATT -499

ACCCATACACACCAAAGACTTCCTAGAAGTCAGACTACTTGGGGTTGTAT -498
::
ACCCATACACACCAAAGACTTCCTAGAAGTCAGACTACTTGGGGTTGTAT -549

Fig. 8

Fig. 9

```

AAGGATAAGGAA--CTGCGCATTG-GTCTTGTTTAGTCTTGAGAGGTCTT -47
::::::::::::: :::: :::: ::::::::::::::: :::::::::::::::
AAGGATAAGGAAACCTGCCATTTGCGTCTTGTTTAGTTTTGAGAGGTCTT -50

GTGGGGCCTTAGCTCAGCTGGGAGAGCGCCTGCTTTGCACGCAGGAGGTC -97
::::::::::::: ::::::::::::::: ::::::::::::::: :::::::::::::::
GTGGGGCCTTAGCTCAGCTGGGAGAGCGCCTGCTTTGCACGCAGGAGGTC -100

AGCGGTTTCGATCCCGCTAGGCTCCATTGGTGAGAGATCACCAAGTAATGC -147
::::::::::::: ::::::::::::::: :::: :::: :::: ::::
AGCGGTTTCGATCCCGCTAGGCTCCATTGAATCGAAAGGTTCAAAT--TGT -148

ACATTGAAAATTGAATATCTATATCAAAT----- -176
::::::::::::: :::::::::::::::
TCATTGAAAATTGAATATCTATATCAAATTCACGATCTAGAAATAGATT -198

-----AGTAACAAGAAAATAAACCGAAAACGCTGT-AGTATT-AATAAG -218
::::::::::::: ::::::::::::::: :::: :::: :::: ::::
GTAGAAAGTAACAAGAAAATAAACCGAAAACGCTGTGAATATTTAATGAG -248

AGTTTATGACTGAAAGG---TCAGAAAATAA -246
:: : : :::: : : :::::
TTTTCTAGTTTTTAAAGAACTAGGTTAATAA -279

```

Fig. 10